

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ
БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ
Кафедра зоологии

КУЛЕШОВА
Оксана Станиславовна

АКТИВНОСТЬ ГЛУТАТИОН-S-ТРАНСФЕРАЗ У ТЛЕЙ *MYZUS*
***PERSICAE*, АССОЦИИРОВАННЫХ С РАЗНЫМИ КОРМОВЫМИ**
РАСТЕНИЯМИ

Аннотация к дипломной работе

Научный руководитель:
кандидат биологических наук,
доцент Н.В. Воронова

Минск, 2021

РЕФЕРАТ

Дипломная работа 60 страниц, 33 рисунка, 3 таблицы, 66 источников использованной литературы.

КЛЮЧЕВЫЕ СЛОВА: ТЛИ, *M. PERSICAE*, ГЛУТАТИОН-S-ТРАНСФЕРАЗЫ, АКТИВНОСТЬ ФЕРМЕНТОВ, РРНК, ВТОРИЧНЫЕ СТРУКТУРЫ.

Объект исследования: *M. persicae*; гены глутатион-S-трансфераз *M. persicae*, *A. gossypii*, *A. pisum*, *D. noxia*, *M. persicae*, *M. sacchari*, *A. craccivora*, *R. maidis*, *S. Flava*; гены рРНК *D. noxia*, *A. citricidus*, *M. persicae*, *A. gossypii*.

Цель работы: оценить изменчивость генов и активностей глутатион-S-трансфераз *M. persicae*.

Материалы исследования: генетически идентичные лабораторные линии тлей *M. persicae*, поддерживаемые на моркови посевной (*Daucus carota* L.) и свекле обыкновенной (*Beta vulgaris* L.); гены глутатион-S-трансфераз из базы данных GenBank NCBI, последовательности 12S и 16S митохондриальных рРНК тлей, *A. gossypii*, *A. pisum*, *D. noxia*, *M. persicae*, *M. sacchari*, *A. craccivora*, *R. Maidis*, *S. flava* и *A. citricidus*.

Методы исследования: биоинформационные, биохимические.

В результате исследования глутатион-S-трансфераз общее среднее расстояние между их генами составило для подкласса Дельта 0,469, для подкласса Сигма – 0,329. После построения консенсусных последовательностей глутатион-S-трансфераз было найдено 3 переменных участка для подкласса Дельта и 4 – для подкласса Сигма. Были построены филогенетические деревья для Сигма и Дельта глутатион-S-трансфераз. Была измерена активность глутатион-S-трансфераз *M. persicae*: у тлей, поддерживаемых на свекле обыкновенной она составила 199210,3 о.е.ф. (SE= 12356,32844), а на моркови посевной – 65587,31564 о.е.ф. (SE= 2667,18408).

Для 12S и 16S рРНК были построены консенсусные последовательности; было найдено 4 наиболее переменных области для 16S рРНК и 1 – для 12S рРНК. Были смоделированы вторичные структуры 12S и 16S митохондриальных рРНК. В 12S рРНК в первом домене имеется три переменных области (H39, H47 и H511), во втором их нет, в третьем имеется одна переменная область (H921). В 16S рРНК в первом и втором доменах имеется по две переменных области (H183 и H533; H579 и H837), третий домен отсутствует, в четвертом домене лишь одна переменная область (H1830), в пятом – три (H2077, H2259 и H2520), в шестом – две (H2646 и H2675). Наиболее отличались структуры 12S рРНК *A. citricidus* и 16S рРНК *M. persicae*.

РЭФЕРАТ

Дыпломная праца 60 старонак, 33 малюнка, 3 табліцы, 66 крыніц выкарыстанай літаратуры.

КЛЮЧАВЫЯ СЛОВЫ: ТЛІ, *M. PERSICAE*, ГЛУТАЦІОН-S-ТРАНСФЯРАЗЫ, АКТЫЎНАСЦЬ ФЕРМЕНТАЎ, РРНК, ДРУГАСНЫЯ СТРУКТУРЫ.

Аб'ект даследавання: *M. persicae*; гены глутаціён-S-трансфяраз *M. persicae*, *A. gossypii*, *A. pisum*, *D. noxia*, *M. persicae*, *M. sacchari*, *A. craccivora*, *R. maidis*, *S. Flava*; гены рРНК *D. noxia*, *A. citricidus*, *M. persicae*, *A. gossypii*.

Мэта працы: ацаніць зменлівасць генаў і актыўнасці глутаціён-S-трансфяраз *M. persicae*.

Матэрыялы даследавання: генетычна ідэнтычныя лабараторныя лініі тлей *M. persicae*, якія падтрымліваюцца на морквы пасяўной (*Daucus carota* L.) і бураках звычайных (*Beta vulgaris* L.); гены глутаціён-S-трансфяраз з базы GenBank NCBI, паслядоўнасці 12S і 16S мітахандрыяльнай рРНК тлей, *A. gossypii*, *A. pisum*, *D. noxia*, *M. persicae*, *M. sacchari*, *A. craccivora*, *R. Maidis*, *S. flava* і *A. citricidus*.

Метады даследавання: біяінфармацыйныя, біяхімічныя.

У выніку даследавання глутаціён-S-трансфяраз агульную сярэднюю адлегласць паміж іх генамі складала для падкласа Дэльта 0,469, для падкласа Сігма – 0,329. Пасля пабудовы кансэнсусны паслядоўнасцяў глутаціён-S-трансфяраз было знойдзена 3 варыябельныя ўчасткі для падкласа Дэльта і 4 – для падкласа Сігма. Былі пабудаваны філагенетычныя дрэвы для Сігма і Дэльта глутаціён-S-трансфяраз. Была вымерана актыўнасць глутаціён-S-трансфяраз *M. persicae*: у тлей, падтрымоўваных на бураках звычайных яна складала 199210,3 а.е.ф. (SE = 12.356,32844), а на морквы пасяўной – 65.587,31564 а.е.ф. (SE = 2.667,18408).

Для 12S і 16S рРНК былі пабудаваны кансэнсусныя паслядоўнасці; было знойдзена 4 найбольш варыябельныя вобласці для 16S рРНК і 1 – для 12S рРНК. Былі змадэляваны другасныя структуры 12S і 16S мітахандрыяльнай рРНК. У 12S рРНК ў першым дамене маецца тры варыябельныя вобласці (H39, H47 і H511), у другім іх няма, у трэцім маецца адна варыябельная вобласць (H921). У 16S рРНК ў першым і другім даменах маецца па дзве варыябельныя вобласці (H183 і H533; H579 і H837), трэці дамен адсутнічае, у чацвёртым дамене толькі адна варыябельная вобласць (H1830), у пятым – тры (H2077, H2259 і H2520), у шостым – дзве (H2646 і H2675). Найбольш адрозніваліся структуры 12S рРНК *A. citricidus* і 16S рРНК *M. persicae*.

ABSTRACT

Graduate work 60 pages, 33 figures, 3 tables, 66 sources of used literature.

KEYWORDS: Aphids, *M. persicae*, GLUTATHIONE-S-TRANSFERASE, ENZYME ACTIVITY, rRNA, SECONDARY STRUCTURES.

Research object: *M. persicae*; glutathione-S-transferase genes *M. persicae*, *A. gossypii*, *A. pisum*, *D. noxia*, *M. persicae*, *M. sacchari*, *A. craccivora*, *R. maidis*, *S. Flava*; rRNA genes *D. noxia*, *A. citricidus*, *M. persicae*, *A. gossypii*.

Objective: to evaluate the gene variability and activity of *M. persicae*'s glutathione-S-transferases.

Materials of the study: genetically identical laboratory lines of *M. persicae* aphids supported on seed carrots (*Daucus carota* L.) and beetroot (*Beta vulgaris* L.); glutathione-S-transferase genes from the GenBank NCBI database, 12S and 16S sequences of mitochondrial rRNA of aphids, *A. gossypii*, *A. pisum*, *D. noxia*, *M. persicae*, *M. sacchari*, *A. craccivora*, *R. Maidis*, *S. flava* and *A. citricidus*.

Research methods: bioinformatic, biochemical.

As a result of the study of glutathione-S-transferases, the total average distance between their genes was 0.469 for the Delta subclass and 0.329 for the Sigma subclass. After constructing the consensus sequences of glutathione-S-transferases, 3 variable sites were found for the Delta subclass and 4 for the Sigma subclass. Phylogenetic trees were constructed for Sigma and Delta glutathione-S-transferases. The activity of glutathione-S-transferases of *M. persicae* was measured: in aphids supported on common beet, it was 199210.3 r.u.f. (SE= 12356.32844), and on carrots – 65587.31564 r.u.f. (SE= 2667,18408).

Consensus sequences were constructed for 12S and 16S rRNAs; 4 most variable regions were found for 16S rRNAs and 1 for 12S rRNAs. Secondary structures of 12S and 16S mitochondrial tRNAs were modeled. In 12S rRNA, the first domain has three variable regions (H39, H47, and H511), the second has none, and the third has one variable region (H921). In 16S rRNA, there are two variable regions in the first and second domains (H183 and H533; H579 and H837), the third domain is absent, the fourth domain has only one variable region (H1830), the fifth – three (H2077, H2259 and H2520), the sixth – two (H2646 and H2675). The structures of 12S rRNA of *A. citricidus* and 16S rRNA of *M. persicae* were the most different.